

KUBOTA&YOSHIDA

10/500373

Attorneys at law and Patent Attorneys

First Floor, Akasaka Yamada Bldg.
2-21-8, Akasaka, Minato-ku
Tokyo 107-0052 Japan
Tel: 81-3-5549-1721
Fax: 81-3-5549-1722

The International Bureau of WIPO
PCT Division
34 chemin des Colombettes
1211 Geneva 20, Switzerland

May 26, 2003

Amendment of the claims under Article 19(1) (Rule 46)

International Application No.: PCT/JP02/13815

International Filing Date: December 27, 2002

Applicant(s): (name) Center for Advanced Science and Technology Incubation, Ltd.
(address) Shin-Marunouchi Bldg. 6F, 5-1, Marunouchi 1-chome, Chiyoda-ku
Tokyo, 100-0005 Japan,

(name) MORISHITA, Shinichi

(address) 1-3-4-1202, Minami-Yamada, Tsuzuki-ku, Yokohama-shi,
Kanagawa, 224-0029 Japan, and

(name) YAMADA, Tomoyuki

(address) No.302, 5-14-8, Hongou, Bunkyo-ku, Tokyo 113-0033 Japan

Agent(s): (name) KUBOTA, Eiichiro

(address) First Floor, Akasaka Yamada Bldg. 21-8,
Akasaka 2-chome, Minato-ku, Tokyo 107-0052 Japan

(name) YOSHIDA, Satoshi

(address) the same address as the above address

Applicant's or Agent's File reference: OP010084

Dear Sir;

The applicant, who received the International Search Report relating to the above identified International Application transmitted on 30.04.03, hereby files an amendment under Article 19 (1) as in the attached sheets.

The applicant submits Sheet 21, 22, 22/1, 23 to 25, 25/1, 26 and 27 to amend claims 1, 3, 7, 9 to 12, 14, 16, 20 and 22 to 25. Claims 2, 4 to 6, 8, 13, 15, 17 to 19 and 21 are retained unchanged.

Very truly yours,



Eiichiro Kubota

Attachment:

(1) Amendment under Article 19(1)

9 sheets

Amended Claim under §19 of PCT

Claims

1. (Amended) A method for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array, the method characterized by comprising the steps of:

calculating incidences of partial arrays with a predetermined length in the genome array; and

storing the incidences relating to the partial arrays with the predetermined length in an incidence table.

2. A method according to Claim 1, characterized by that the step of storing in the incidence table has the steps of:

omitting the storage into the incidence table for partial arrays with the incidence of zero (0); and

using second partial arrays having a shorter second predetermined length than the predetermined length and storing in a second table a position in the incidence table of the partial arrays with the predetermined length including the second partial array from the beginning.

3. (Amended) A method for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array, the method characterized by comprising the steps of:

calculating an isolation degree i by which j mutation(s) ($j=1, 2, \dots, i-1$) referring to the conversion of j alkali(s) of each of partial arrays with a predetermined length do/does not appear in the genome array but i mutation(s) referring to

Amended Claim under §19 of PCT

the conversion of i alkalis appear(s) in the genome array; and
storing in an isolation degree table the isolation degree with respect to the partial arrays with the predetermined length.

4. A method according to Claim 3, characterized by that the step for calculating the isolation degree has the steps of:

judging whether or not k mutation(s) referring to the conversion of k alkali(s) of the partial array with the predetermined length exist(s) in the partial array with the predetermined length with reference to an incidence table storing an incidence in a genome array with respect to each of the partial arrays with the predetermined length;

when the k mutation(s) exist(s), determining k as an isolation degree;

when the k mutation(s) does/do not exist, incrementing k and repeating the step of judging the presence of the k mutation(s).

5. A method according to Claim 3 or 4 characterized by that the step of calculating the isolation degree has the steps of:

judging, by using second partial arrays having a shorter second predetermined length than the predetermined length and with reference to a second table storing a position, in the incidence table, of the partial arrays with the predetermined

Amended Claim under §19 of PCT

length including the second partial array from the beginning, whether the k mutation(s) with the predetermined length exist(s) in which k alkali(s) at a position away from the beginning of the partial array with the predetermined length by a second predetermined length is/are converted;

when the k mutation(s) exist(s), finding a hamming distance between the k mutation(s) and the array with the predetermined length;

when the minimum value of the hamming distance is k , determining the k as an isolation degree thereof;

when the minimum value is larger than k , repeating the step of incrementing k and judging by using the presence of the k mutation(s) with the predetermined length and the minimum value of the hamming distance.

6. A method according to Claim 3 or 4, characterized by comprising the step of judging the appearance in the genome array based on whether the incidence in the genome array is equal to or lower than n .

7. (Amended) A method for judging an eligibility for array design of an array including an alkali in a genome array, the method characterized by comprising the steps of:

calculating a shortest partial array by which a partial array starting from the k^{th} letter of a partial array with a predetermined length no longer appears in a genome array; and

calculating the maximum number m of partial array

Amended Claim under §19 of PCT

uniquely included in the partial array and handling the m as an indicator indicating an isolation degree thereof by considering the m as the lower bounds of the isolation degree.

8. A method according to Claim 7, characterized by comprising the step of performing the step of judging whether the partial array appears or not based on whether the incidence in the genome array is equal to or lower than n .

9. (Amended) A method for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array, the method characterized by comprising the steps of:

creating an incidence table by using a method according to Claim 1 or 2;

identifying a same number of arrays including the alkali as a predetermined length with respect to each of alkalis included in a genome array;

identifying an incidence relating to each of the identified arrays with reference to the incidence table; and

calculating the first indicator based on a total sum of the identified incidences.

10. (Amended) A method for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array, the method characterized by comprising the steps of:

using an isolation degree table created by using a method according to any one of Claims 3 to 8;

identifying a same number of arrays including the alkali

Amended Claim under §19 of PCT

as a predetermined length with respect to each of alkalis included in a genome array;

identifying an isolation degree relating to each of the identified arrays with reference to the isolation degree table; and

calculating the second indicator based on a total sum of the identified isolation degrees.

11. (Amended) A method for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array, characterized by comprising the steps of:

using an incidence table created by using a method according to Claim 1 or 2;

using an isolation degree table created by using a method according to any one of Claims 3 to 8;

identifying a same number of arrays including the alkali as a predetermined length with respect to each of alkalis included in a genome array;

identifying an incidence relating to each of the identified arrays with reference to the incidence table;

calculating a first indicator based on a total sum of the identified incidences;

identifying an isolation degree relating to each of the identified arrays with reference to the isolation degree table; and

calculating a second indicator based on a total sum of

Amended Claim under §19 of PCT

the identified isolation degrees.

12. (Amended) A method according to any one of Claims 9 to 11 characterized by further comprising the steps of:

assigning, based on an calculated indicator, a different display form in accordance with a value or range of the indicator; and

creating an image representing each alkali in a genome array in accordance the assigned display form.

13. A method according to Claim 12, characterized by that the display form is a color.

14. (Amended) A program for operating a computer for judging an eligibility for array design of an array including an alkali in a genome array and being readable by the computer, the program characterized by causing the computer to perform the steps of:

calculating incidences of partial arrays with a predetermined length in the genome array; and

storing the incidences relating to the partial arrays with the predetermined length in an incidence table.

15. A program according to Claim 14, characterized by causing the computer to perform the step for storing in the incidence table having the steps of:

omitting the storage into the incidence table for partial arrays with the incidence of zero (0); and

Amended Claim under §19 of PCT

using second partial arrays having a shorter second predetermined length than the predetermined length and storing in a second table a position, in the incidence table, of the partial arrays with the predetermined length including the second partial array from the beginning.

16. (Amended) A program for operating a computer for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array and being readable by the computer, the program characterized by causing the computer to perform the steps of:

calculating an isolation degree i by which j mutation(s) ($j=1,2, \dots, i-1$) referring to the conversion of j alkali(s) of each of partial arrays with a predetermined length do/does not appear in the genome array but i mutation(s) referring to the conversion of i alkalis appear(s) in the genome array; and

storing in an isolation degree table the isolation degree with respect to the partial arrays with the predetermined length.

17. A program according to Claim 16, characterized by causing the computer to perform the step for calculating the isolation degree having the steps of:

judging whether or not k mutation(s) referring to the conversion of k alkali(s) of the partial array with the predetermined length exist(s) in the partial array with the predetermined length with reference to an incidence table

Amended Claim under §19 of PCT

storing an incidence in a genome array with respect to each of the partial arrays with the predetermined length;

when the k mutation(s) exist(s), determining the k as an isolation degree;

when the k mutation(s) does/do not exist, incrementing k and repeating the step of judging the presence of the k mutation(s).

18. A program according to Claim 16 or 17 characterized by the program causing the computer to perform the step of calculating the isolation degree having the steps of:

judging, by using second partial arrays having a shorter second predetermined length than the predetermined length and with reference to a second table storing a position, in the incidence table, of the partial arrays with the predetermined length including the second partial array from the beginning, whether or not the k mutation(s) with the predetermined length exist(s) in which k alkali(s) at a position away from the beginning of the partial array with the predetermined length by a second predetermined length is/are converted;

when the k mutation(s) exist(s), finding a hamming distance between the k mutation(s) and the array with the predetermined length;

when the minimum value of the hamming distance is k, determining the k as an isolation degree thereof;

Amended Claim under §19 of PCT

when the minimum value is larger than k , repeating the step of incrementing k and judging by using the presence of the k mutation(s) with the predetermined length and the minimum value of the hamming distance.

19. A program according to Claim 16 or 17, characterized by causing the computer to perform the step of judging the appearance in the genome array based on whether the incidence in the genome array is equal to or lower than n .

20. (Amended) A program for operating a computer for judging an eligibility for array design of an array including an alkali in a genome array and being readable by the computer, the program characterized by causing the computer to perform the steps of:

calculating a shortest partial array by which a partial array starting from the k th letter of a partial array with a predetermined length no longer appears in a genome array; and

calculating the maximum number m of partial array uniquely included in the partial array and handling the m as an indicator indicating an isolation degree thereof by considering the m as the lower bounds of the isolation degree.

21. A program according to Claim 20, characterized by causing the computer to perform the step of judging whether the partial array appears or not based on whether the incidence in the genome array is equal to or lower than n .

Amended Claim under §19 of PCT

22. (Amended) A computer-readable program for operating a computer for judging an eligibility for array design of an array including an alkali in a genome array and being readable by the computer, the program characterized by causing the computer to perform the steps of:

using an incidence table created by causing the computer to perform a program according to Claim 14 or 15,

identifying a same number of arrays including the alkali as a predetermined length with respect to each of alkalis included in a genome array;

identifying an incidence relating to each of the identified arrays with reference to the incidence table; and

calculating a first indicator based on a total sum of the identified incidences.

23. (Amended) A computer-readable program for operating a computer for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array and being readable by the computer, the program characterized by causing the computer to perform the steps of:

using an isolation degree table created by causing the computer to perform a program according to any one of Claims 16 to 21;

identifying a same number of arrays including the alkali as a predetermined length with respect to each of alkalis included in a genome array;

Amended Claim under §19 of PCT

identifying an isolation degree relating to each of the identified arrays with reference to the isolation degree table; and

calculating the second indicator based on a total sum of the identified isolation degrees.

24. (Amended) A computer-readable program for operating a computer for judging an eligibility, for array design, of an array including an alkali in a genome array and being readable by the computer, the program characterized by causing the computer to perform the steps of:

using an incidence table created by causing the computer to perform a program according to Claim 14 or 15; using an isolation degree table created by causing the computer to perform a program according to any one of Claims 16 to 21;

identifying a same number of arrays including the alkali as a predetermined length with respect to each of alkalis included in a genome array;

identifying an incidence relating to each of the identified arrays with reference to the incidence table;

calculating a first indicator based on a total sum of the identified incidences;

identifying an isolation degree relating to each of the identified arrays with reference to the isolation degree table;

Amended Claim under §19 of PCT

calculating a second indicator based on a total sum of the identified isolation degrees.

25. (Amended) A program according to any one of Claims 22 to 24 characterized by further causing the computer to perform the steps of:

assigning, based on an calculated indicator, a different display form in accordance with a value or range of the indicator; and

creating an image representing each alkali in a genome array in accordance the assigned display form.

FIG. 1

22 GENOME ARRAY DB
12 INCIDENCE CALCULATOR PORTION
14 ISOLATION DEGREE CALCULATOR PORTION
18 VISUALIZATION PROCESSING PORTION
20 PRIMER CREATION SUPPORTING PORTION
16 INCIDENCE/ISOLATION DEGREE TABLE

FIG. 7

FIRST INDICATOR (INCIDENCES) LARGE SMALL
SECOND INDICATOR (ISOLATION DEGREE) SMALL LARGE
THIRD INDICATOR (SECOND INDICATOR/FIRST INDICATOR)
SMALL LARGE
COLOR WARM COLOR COLD COLOR

FIG. 2A

GENOME ARRAYS:

N-mer ARRAY:

INCIDENCES

FIG. 2B

INCIDENCES

APPEARS $(8+2+3+1+3+4)/6$ TIMES

FIG. 3

301 INCIDENCES
302 1 MUTATION
303 2 MUTATIONS
304 ISOLATION DEGREE

FIG. 4

CALCULATE INCIDENCE

401 SELECT N-mer ARRAY
402 SCAN GENOME ARRAY
403 LOCATE POSITION WHERE N-mer ARRAY APPEARS AND MEASURE
THE NUMBER OF TIMES THEREOF
404 STORE IN TABLE BY USING THE N-mer ARRAY AS A KEY
405 ALL N-mer ARRAYS?
RETURN

FIG. 5A

N-mer ARRAYS
INCIDENCES

FIG. 5B

N-mer ARRAYS
INCIDENCES

FIG. 5C

HASH ARRAYS

INCIDENCES

FIG. 6

CALCULATE ISOLATION DEGREE

```
501  SELECT N-mer ARRAY
602  INITIALIZE i
603  IDENTIFY ANOTHER N-mer ARRAY HAVING i MUTATION(S)
604  REFER TO TABLE
605  APPEAR IN GENOME ARRAY?
606  NO OTHER N-mer ARRAYS?
608  MINIMUM VALUE OF HAMMING DISTANCE = i?
609  STORE i AS ISOLATION DEGREE OF THE N-mer ARRAY
610  ALL N-mer ARRAYS?
RETURN
```

FIG. 8

NUMBER OF UNIQUE ARRAY PATTERNS WITH PARTIAL ARRAY LENGTHS
MINIMUM ARRAY LENGTH TO BE UNIQUE AND SHARE IN ENTIRE ARRAY
SHARE IN ENTIRE ARRAY
PARTIAL ARRAY LENGTH

FIG. 9

START

```
901  CALCULATE MAXIMUM HEIGHT  $Hgt_k(i)$ 
902  CALCULATE SECOND ISOLATION DEGREE OF PARTIAL ARRAY
```


Amended Claim under §19 of PCT

HAVING A LENGTH OF $|P|$ OR BELOW

903 CALCULATE LOWER BOUND $f(E)$ USING RECURRENCE EQUATION

END

請求の範囲

1. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するための方法であって、

5 所定長の部分列の各々に関して、前記ゲノム配列中の出現頻度を算出するステップと、

前記所定長の部分列に関する出現頻度を、頻度テーブルに記憶するステップとを備えたことを特徴とする方法。

2. 前記頻度テーブルに記憶するステップが、

10 出現頻度が0 (ゼロ) である部分列に関して、頻度テーブルへの記憶を省略するステップと、

前記所定長より短い第2の所定長を有するような第2の部分列の各々を用いて、前記第2の部分列を先頭から含む所定長の部分列の、前記頻度テーブル中の位置を、第2のテーブルに記憶するステップとを有することを特徴とする請求項1に記載の方法。

15 3. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するための方法であって、

所定長の部分列の各々に関して、 j 個の塩基を変換した j ミューテーション ($j = 1, 2, \dots, i-1$) が、前記ゲノム配列中には表れないが、 i 個の塩基を変換した i ミューテーションが、前記ゲノム配列中に現れるような孤立度 i を算出するステップと、

20

前記所定長の部分列に関して、前記孤立度を、孤立度テーブルに記憶するステップとを備えたことを特徴とする方法。

4. 前記孤立度を算出するステップが、

前記所定長の部分列に関して、当該部分列の k 個の塩基を変換した k ミューテーションについて、所定長の部分列の各々に関してゲノム配列中の出現頻度を記憶した頻度テーブルを参照して、当該 k ミューテーションが存在するか否かを判断するステップと、

25

前記 k ミューテーションが存在する場合に、当該 k を孤立度とするステップ

と、

前記 k ミューテーションが存在しない場合に、 k をインクリメントして、前記 k ミューテーションの存在の有無を判断するステップを繰り返し実行するステップとを有することを特徴とする請求項3に記載の方法。

5 5. 前記孤立度を算出するステップが、

前記所定長より短い第2の所定長を有するような第2の部分列の各々を用いて、前記第2の部分列を先頭から含む所定長の部分列の、前記頻度テーブル中の位置を記憶した第2のテーブルを参照して、前記所定長の部分列のうち先頭から第2の所定長にある k 個の塩基を変換したような、前記所定長の k ミューテーションが存在するか否かを判断するステップと、

前記 k ミューテーションが存在する場合に、当該 k ミューテーションと、前記所定長の配列との間のハミング距離を見出すステップと、

前記ハミング距離の最小値が k である場合に、当該 k を孤立度とするステップと、

最小値が k より大きい場合には、 k をインクリメントして、前記所定長の k ミューテーションの存在の有無、および、ハミング距離の最小値を用いた判断をなすステップを繰り返し実行するステップを有することを特徴とする請求項3または4に記載の方法。

6. 前記ゲノム配列中に現れるか否かの判断を、前記ゲノム配列中での出現頻度が n 回以下であるかに基づいて実行するステップを備えたことを特徴とする請求項3または4に記載の方法。

7. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するための方法であって、

所定長の部分列に関して、当該部分列の k 番目の文字から始まる部分配列が、ゲノム配列中に出現しなくなる最短の部分列を求めるステップと、

当該部分列中に重複せずに含まれる部分列の最大の個数 m を算出し、当該 m を孤立度の下界として、孤立度を示す指標とするステップとを備えたことを特徴とする方法。

8. 前記部分配列が現れるか否かの判断を、前記ゲノム配列中での出現頻度が n

回以下であるかに基づいて実行するステップを備えたことを特徴とする請求
項7に記載の方法。

9. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む、配列設計への適正度を判断するための方法であって、

請求項1または2に記載の方法を用いて頻度テーブルを生成するステップと、
ゲノム配列を構成する各塩基に関して、当該塩基を含む所定長と同数の配列
5 を特定するステップと、

前記頻度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する出現頻度を特定するステップと、

前記特定された出現頻度の総和に基づき、第1の指標を算出するステップとを備えたことを特徴とする方法。

10 10. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するための方法であって、

請求項3ないし8の何れか一項に記載の方法を用いて生成された孤立度テーブルを利用するステップと、

ゲノム配列を構成する各塩基に関して、当該塩基を含む所定長と同数の配列
15 を特定するステップと、

前記孤立度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する孤立度を特定するステップと、

前記特定された孤立度の総和に基づき、第2の指標を算出するステップとを備えたことを特徴とする方法。

20 11. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するための方法であって、

請求項1または2に記載の方法を用いて生成された頻度テーブルを利用するステップと、

請求項3ないし8の何れか一項に記載の方法を用いて生成された孤立度テ
25 ブルを利用するステップと、

ゲノム配列を構成する各塩基に関して、当該塩基を含む所定長と同数の配列を特定するステップと、

前記頻度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する出現頻度を特

定するステップと、

前記特定された出現頻度の総和に基づき、第1の指標を算出するステップと、
前記孤立度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する孤立度を特定
するステップと、

5 前記特定された孤立度の総和に基づき、第2の指標を算出するステップとを
備えたことを特徴とする方法。

12. (補正後)さらに、算出された指標に基づき、当該指標の値或いは範囲にした
がって異なる表示態様を割り当てるステップと、

10 前記割り当てられた表示態様にしたがって、ゲノム配列中の各塩基を表した
ような画像を生成するステップとを備えたことを特徴とする請求項9ないし
11の何れか一項に記載の方法。

13. 前記表示態様が、色彩であることを特徴とする請求項12に記載の方法。

14. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断する
ためにコンピュータを動作させる、当該コンピュータにより読み取り可能なプ
15 ログラムであって、

所定長の部分列の各々に関して、前記ゲノム配列中の出現頻度を算出するステ
ップと、

前記所定長の部分列に関する出現頻度を、頻度テーブルに記憶するステップ
とを前記コンピュータに実行させることを特徴とするプログラム。

20 15. 前記頻度テーブルに記憶するステップにおいて、

出現頻度が0(ゼロ)である部分列に関して、頻度テーブルへの記憶を省略す
るステップと、

25 前記所定長より短い第2の所定長を有するような第2の部分列の各々を用い
て、前記第2の部分列を先頭から含む所定長の部分列の、前記頻度テーブル中
の位置を、第2のテーブルに記憶するステップとを、前記コンピュータに実行
させることを特徴とする請求項14に記載のプログラム。

16. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断する
ためにコンピュータを動作させる、当該コンピュータにより読み取り可能なプ

プログラムであって、

所定長の部分列の各々に関して、 j 個の塩基を変換した j ミューテーション ($j = 1, 2, \dots, i-1$) が、前記ゲノム配列中には表れないが、 i 個の塩基を変換した i ミューテーションが、前記ゲノム配列中に現れるような孤立度 i を算出するステップと、

前記所定長の部分列に関して、前記孤立度を、孤立度テーブルに記憶するステップとを、前記コンピュータに実行させることを特徴とするプログラム。

17. 前記孤立度を算出するステップにおいて、

前記所定長の部分列に関して、当該部分列の k 個の塩基を変換した k ミューテーションについて、所定長の部分列の各々に関してゲノム配列中の出現頻度を記憶した頻度テーブルを参照して、当該 k ミューテーションが存在するか否かを判断するステップと、

前記 k ミューテーションが存在する場合に、当該 k を孤立度とするステップと、

前記 k ミューテーションが存在しない場合に、 k をインクリメントして、前記 k ミューテーションの存在の有無を判断するステップを繰り返し実行するステップとを、前記コンピュータに実行させることを特徴とする請求項 16 に記載のプログラム。

18. 前記孤立度を算出するステップにおいて、

前記所定長より短い第 2 の所定長を有するような第 2 の部分列の各々を用いて、前記第 2 の部分列を先頭から含む所定長の部分列の、前記頻度テーブル中の位置を記憶した第 2 のテーブルを参照して、前記所定長の部分列のうち先頭から第 2 の所定長にある k 個の塩基を変換したような、前記所定長の k ミューテーションが存在するか否かを判断するステップと、

前記 k ミューテーションが存在する場合に、当該 k ミューテーションと、前記所定長の配列との間のハミング距離を見出すステップと、

前記ハミング距離の最小値が k である場合に、当該 k を孤立度とするステップと、

最小値が k より大きい場合には、 k をインクリメントして、前記所定長の k ミューテーションの存在の有無、および、ハミング距離の最小値を用いた判断をなすステップを繰り返し実行するステップを、前記コンピュータに実行させることを特徴とする請求項16または17に記載のプログラム。

- 5 19. 前記ゲノム配列中に現れるか否かの判断を、前記ゲノム配列中での出現頻度

が n 回以下であるかに基づいて実行するステップを、前記コンピュータに実行させることを特徴とする請求項16または17に記載のプログラム。

20. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するために、コンピュータを動作させる、当該コンピュータにより読み取り可能なプログラムであって、

所定長の部分列に関して、当該部分列の k 番目の文字から始まる部分配列が、ゲノム配列中に出現しなくなる最短の部分列を求めるステップと、

当該部分列中に重複せずに含まれる部分列の最大の個数 m を算出し、当該 m を孤立度の下界として、孤立度を示す指標とするステップとを、前記コンピュータに実行させることを特徴とするプログラム。

21. 前記部分配列が現れるか否かの判断を、前記ゲノム配列中での出現頻度が n 回以下であるかに基づいて実行するステップを、前記コンピュータに実行させることを特徴とする請求項20に記載のプログラム。

22. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するためにコンピュータを動作させる、当該コンピュータにより読み取り可能なプログラムであって、

請求項14または15に記載のプログラムを、コンピュータに実行させることにより生成された頻度テーブルを利用するステップと、

ゲノム配列を構成する各塩基に関して、当該塩基を含む所定長と同数の配列を特定するステップと、

前記頻度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する出現頻度を特定するステップと、

前記特定された出現頻度の総和に基づき、第1の指標を算出するステップとを、前記コンピュータに実行させることを特徴とするプログラム。

23. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するためにコンピュータを動作させる、当該コンピュータにより読み取り可能なプログラムであって、

請求項16ないし21の何れか一項に記載のプログラムを、コンピュータに

実行させることにより生成された孤立度テーブルを利用するステップと、

ゲノム配列を構成する各塩基に関して、当該塩基を含む所定長と同数の配列を特定するステップと、

5 前記孤立度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する孤立度を特定するステップと、

前記特定された孤立度の総和に基づき、第2の指標を算出するステップとを、前記コンピュータに実行させることを特徴とするプログラム。

24. (補正後)ゲノム配列中の塩基を含む配列の、配列設計への適正度を判断するためにコンピュータを動作させる、当該コンピュータにより読み取り可能なプログラムであって、
10

請求項14または15に記載のプログラムを、コンピュータに実行させることにより生成された頻度テーブルを利用するステップと、

請求項16ないし21の何れか一項に記載のプログラムを、コンピュータに実行させることにより生成された孤立度テーブルを利用するステップと、

15 ゲノム配列を構成する各塩基に関して、当該塩基を含む所定長と同数の配列を特定するステップと、

前記頻度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する出現頻度を特定するステップと、

前記特定された出現頻度の総和に基づき、第1の指標を算出するステップと、
20 前記孤立度テーブルを参照して、特定された配列の各々に関する孤立度を特定するステップと、

前記特定された孤立度の総和に基づき、第2の指標を算出するステップとを、前記コンピュータにより実行させることを特徴とするプログラム。

25 25. (補正後)さらに、算出された指標に基づき、当該指標の値或いは範囲にしたがって異なる表示態様を割り当てるステップと、

前記割り当てられた表示態様にしたがって、ゲノム配列中の各塩基を表したような画像を生成するステップとを、前記コンピュータに実行させることを特徴とする請求項22ないし24の何れか一項に記載のプログラム。